

本周工作：

- 整理套路剩余 case 的套路和总结的套路。
- User study 进展：本周测试了几种生成不同 LMI 值地图的方法：
 - 随机赋值，随机赋值的方法生成的地图比较接近中位数，无法产生两端的极值。因为区域的数量较大。
 - 交换迭代逐步达到最优解，这种方法能够得到某个状态下的极值，但不是最优解，取决于开始时的初始状态，且具有一定的随机性。但是生成的数据，比随机赋值的好。
 - 阅读现有文章代码，从 PY 变为 JS 程序。这部分还在继续更改，主要是一些库的调用函数的重现。

套路整理	剩余两段，	下周总结完
User study	生成不同 LMI 值的地图	
工作时间工作日 10: 00am----6: 00pm		

套路整理：

[红色]为引用文献 阴影为关键步骤

摘要

1. 开门见山式：

- We present XXX, a novel visualization technique designed for scalable detailed analysis of neuronal connectivity at the nanoscale level. + 技术特点+允许用户完成的分析问题。然后介绍问题的背景，现有的技术挑战。我们的工具的贡献点。+ We describe and analyze the design of NeuroLines based on two real-world use-cases of our collaborators in developmental neuroscience, and investigate its scalability to large-scale neuronal connectivity data. [NeuroLines][DAViewer]

2. 背景启发式(design study多采用开门见山及背景启发式摘要)：

- (描述关键问题) One bottleneck in large-scale genome sequencing projects is reconstructing the full genome sequence from the short subsequences produced by current technologies. (问题关键步骤) The final stages of the genome assembly process inevitably require manual inspection of data inconsistencies and could be greatly aided by visualization. (本文提出) This paper presents our design decisions in translating key data features identified through discussions with analysts into a concise visual encoding. Current visualization tools in this domain focus on local sequence errors making high-level inspection of the assembly difficult if not impossible. We present a novel interactive graph display, ABySS-Explorer + (case和讨论) Our tool replaces manual and in some cases pen-and-paper based analysis tasks, and we discuss how user feedback was incorporated into iterative design refinements. Finally, we touch on applications of this representation not initially considered in our design phase, suggesting the generality of this encoding for DNA sequence data. [ABySS-Explorer][MovExp]

- 关键步骤可以替换为现有难点，结合背景知识，现有的方法不能解决什么问题but have very different forms and behavior because of the selective expression of subsets of their genes. The widely used approach of measuring gene expression over time from a tissue sample using techniques such as microarrays or sequencing do not provide information about the spatial position within the tissue where these genes are expressed.
[MulteeSum][Visualization of Parameter Space for Image Analysis][Entourage][BirdVis][Visualizing Network Traffic to Understand the Performance of Massively Parallel Simulations]

3. 数据驱动式

- 描述数据及背景然后顺理成章的介绍文章考虑了什么：The relationship between candidates' position on a ballot paper and vote rank is explored in the case of 5000 candidates for the UK 2010 local government elections in the Greater London area. This design study uses这种方法的缺点在于动机不如第二种的强，所以最后要结合实际问题说明方法可以解决什么样的分析任务：The visual approach proposed here can be applied to a wider range of electoral data and the patterns identified and hypotheses derived from them could have significant implications for the design of ballot papers and the conduct of fair elections.
[BallotMaps]

Introduction

文章的第一段大都采用了最基本的可视化文章套路，分段介绍背景知识，分析的问题及数据（神经连接帮助理解大脑功能及生长），分析的困难点（规矩复杂，规模大难以分析）。说明近期文章的研究方向及未解决的问题（e.g., Until now, most of the effort has focused on developing novel methods for highthroughput and high-resolution image acquisition [30], data registration [12], segmentation [21, 24], synapse identification, and the reconstruction of connectivity [9, 43].），挑战（可罗列）[Visualization of Parameter Space for Image Analysis][DAViewer]并举列说明。本文提出了什么样的方法及文章的贡献点。[NeuroLines][MulteeSum][BallotMaps][Entourage]不同的是，如果文章涉及的问题是比较专业的领域，则需要花费很多的文字详细的解释文中的术语（如 DNA，RNA 及其之间的关系，突触等）甚至可能另起一段介绍背景知识，见 background 章节。背景知识的介绍如果放在简介中要在一开始的前两段，从而很好地给全文想要分析的问题打好铺垫，从第三段开始再介绍问题。[ABySS-Explorer]

Related work

相关工作的介绍中，每一段的内容要按照种类或者时间顺序分类，分序介绍，循序渐进，并加以解释及对比，本文的工作和之前的工作有哪些不同，之前的工作没有考虑哪些方面等等。本文中未解决的问题也可以罗列并提出可能的解决方法放在未来工作中。相关工作考虑的段落包括

- 数据的收集，标记方法[NeuroLines]
- 相关同类数据可视化方法[通用]
- 数据的处理方法（数据库，数据存储，数据计算等）
- 可视化的交互方法[NeuroLines]

Background

背景知识介绍是比较特殊的 design study 文章中的段落，因为 design 的数据或者想要可视化的目标，分析的问题涉及到某些专业的问题，往往需要很长的段落来解释文中出现的专有名词，专业术语及一般的处理流程[MovExp]。所以往往另起一段介绍背景知识。背景知识段落中，介绍时往往结合图片来更清晰的展示。并配以足够数量的参考文献，[NeuroLines][ABySS-Explorer]不能想到什么是什么而无理可究。

Design task

1. 主要目标（解决的问题，主要的功能）：

- 总分结构：即首先介绍想要解决的关键问题，然后分条概括具体问题。之后对每一问题举例说明。The main objective of our collaborators is to quickly form, test, and accept or reject new hypotheses regarding neuron connectivity. NeuroLines supports the overall goals of neuroscientists to (a) (b). An example of (a) is... [NeuroLines]

2. 任务分析：

We identified these tasks over several months of meetings with our domain scientists through semistructured interviews and informal feedback sessions..... We have identified the following main tasks 结合专家讨论及反馈指定任务 T，任务种类包含：

- 可执行的过滤动作[NeuroLines] [MovExp]
- 对关键数据的分析
- 对关键流程的查看分析[DAViewer]
- 特定的元素分析

每一个任务都需要说明为什么要分析这个对象，或者为什么要有这种交互动作。结合例子讨论这一任务在实际中的应用。

3. 设计的挑战 C：

提出基于任务的设计难点，最常见的难点是可拓展性的困难。其实就是基于任务，文章 design 的贡献点，但是本节主要提出困难，并不解决这个困难。只给出可能的解决方向。

[NeuroLines]

Data

数据的介绍可以单独一节，也可以放在第一段[BirdVis]或者 case 的开头。如果单独一节，数据章节一般介绍的内容可以有：

- 数据收集方法[MulteeSum][Visualizing Network Traffic to Understand the Performance of Massively Parallel Simulations]
- 数据特征
- 现有数据集介绍[MulteeSum]
- 数据容量的介绍及存储方法[MulteeSum]
- 处理及存储数据的难点（也可以放在 task 章节）

Visual elements

设计元素的介绍有两种方法，

1. 单独介绍设计元素：这种方法中，一般会将任务，挑战及设计元素分开介绍，也是比较主流的文章写作手法。任务及挑战见 **Design task** 章节。结合图片介绍系统布局，及 zoom 方法，从而引出设计流程“search, show context, expand on demand”。逐一介绍每一个视图和元素的编码。[\[NeuroLines\]](#) [\[MulteeSum\]](#)[\[Visualization of Parameter Space for Image Analysis\]](#) [\[DAViewer\]](#)
2. 结合数据，分析任务和难点介绍文章的可视化方法：这种方法中依次介绍每一种分析的任务及文章解决的方法，这种方法比较工程性，也为页数节省了一部分空间。问题与解决方法同时提出。[\[ABySS-Explorer\]](#)[\[BallotMaps\]](#)

特色关键点：

- 设计考虑：说明选取可视化方法的考虑过程，为什么选取这种方法，相比于其他方法有什么优势？并加以比较。例如[\[NeuroLines\]](#)文章首先是节点连接图，但是丢失了位置信息，然后使用 3D+地铁，但是效果不好，最后使用了 2D 效果，而且可以切换回 3D。结合图片。

Interaction

本节的特色很少，基本都是根据之前讨论的系统任务需求，对过滤，重拍，平移，探索等交互种类按照分析流程的顺序，结合图片和案例依次介绍。

IMPLEMENTATION AND EVALUATION

1. 平台，数据介绍
2. 结合 case，介绍如何利用系统完成用户的分析，分析的流程。
3. 任务及挑战的完成度，可拓展性的评估。

Conclusion

1. 结合反馈,讨论系统的优势，和 limitation。
2. 强调文章贡献点（主要说明较已有流程的提升）
3. 未来工作